

3.4.5.3 Die Translation (Übersetzung des genetischen Codes in Proteine)

mRNA → Protein: Die Übersetzungsmaschinerie

Vorüberlegung:

- Die Reihenfolge der **Basen (A, T, C und G)** auf der mRNA legt die Reihenfolge der **Aminosäuren** fest!
- Es gibt **20 Aminosäuren** und **4 Basen**!
- damit eindeutig bestimmbar ist, welche **Aminosäure** in das **Peptid/Protein** eingebaut werden soll, muss eine Kombination aus mindestens **3 Basen (Triplett, Codon)** eine **Aminosäure** verschlüsseln.

1 Base → 4^1 Verschlüsselungsmöglichkeiten

2 Basen (Duplett) → $4^2 = 16$ Verschlüsselungsmöglichkeiten

3 Basen (Triplett) → $4^3 = 64$ Verschlüsselungsmöglichkeiten

Mit Hilfe künstlicher mRNA konnte man zeigen, welche Basenkombination zu welchem Protein führt – es entstand der **genetische Code**:

(Versuche zur Entschlüsselung: s. Buch, S. 69)

- Eine möglich Darstellung des **genetischen Code** ist die **Codesonne**: Sie wird von innen nach außen gelesen.
- Neben den **Aminosäuren** werden auch ein **Starttriplett** und mehrere **Stopptripletts** codiert.
- **Mehrere Triplets** codieren für die gleiche **Aminosäuren**: man sagt der **genetische Code** ist **redundant** bzw. **degeneriert**.
- Der **genetische Code** ist **universell**: d.h., in allen Organismen gleich.
- Er ist „**kommafrei**“ und „**überlappungsfrei**“. Das bedeutet, wo ein **Triplett** anfängt oder aufhört ist nicht gekennzeichnet. In vivo (= im lebendigen Organismus) legt das **Starttriplett 5'-AUG-3'** den Startpunkt der Translation fest. In vitro (= im Reagenzglas) ist dies nicht der Fall! Daher lieferten die Versuche zur Entschlüsselung des genetischen Codes auch unterschiedliche **Peptid-Ketten** bei der Verwendung von mRNA mit sich wiederholenden Triplets, wie z.B. **Poly-ACC**.

Die Ribosomen

Im Zellplasma liegen die Ribosomen, welche die Übersetzung von **mRNA** in **Proteine** bewerkstelligen.

Aufbau:	bei Eukaryoten	bei Prokaryoten
große Untereinheit	60S	50S
kleine Untereinheit	40S	30S
	} 80S	} 70S

Beide Einheiten bestehen aus RNA-Stücken (rRNA; r = ribosomal) und Proteinen.

Ribosomen gleiten über die **mRNA** und hängen dabei entsprechend der vorliegenden **Codons Aminosäuren** aneinander.

Die tRNA

Die **tRNA** (t= transfer) ist eine durch intramolekulare Wasserstoffbrückenbindung **teilweise doppelsträngig vorliegende RNA**, die sich durch folgende Regionen auszeichnet:

[AB] Akzeptor-Arm: Anheftungsstelle für **Aminosäure**
Anticodon-Arm: komplementäres Gegenstück zu einem **Codon**
 (D-Arm, V-Schleife und T-Arm) dienen als Erkennungsregion

Aufgrund des Wechsels von gepaarten und ungepaarten Abschnitten spricht man auch von der Kleeblattstruktur der **tRNA**.

Die **tRNA** transportiert die zum entsprechenden **Codon** passende **Aminosäure** zum Ribosom. Anschließend muss die **tRNA** wieder mit der richtigen **Aminosäure** beladen werden. Dies bewerkstelligt die **Aminoacyl-tRNA-Synthetase** unter ATP-Verbrauch:

[AB]

Der Translationsvorgang

1. Durch Anlagerung einer **tRNA^{Met}** an das **Codon 5'-AUG-3'** auf der **mRNA** wird die Zusammensetzung der beiden Untereinheiten der Ribosomen **initiiert**. (Bei Bakterien: fMet)
 2. An der P-Stelle (Bindungsstelle, Peptidyl) des Ribosoms liegt nun **tRNA^{Met}** vor, an die A-Stelle (Erkennungsort, Aminoacyl) kann sich nun die nächste beladene **tRNA** mit ihrem **Anticodon** an das entsprechend **Codon** anlagern.
 3. Die **Aminosäure-Kette** an der **tRNA** der P-Stelle wird an die **Aminosäure** der **tRNA** an der A-Stelle übertragen.
 4. Das Ribosom rückt ein **Codon** weiter. **Elongation**
5. Die **Termination** erfolgt durch Terminationsfaktoren

[AB]